



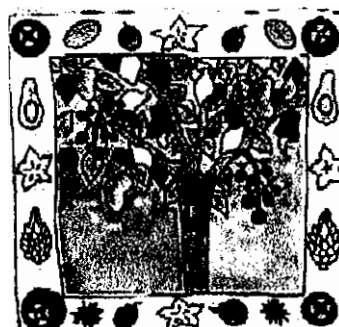
REUNION ANNUELLE 2001 CIRAD-FLHOR

DU 3 AU 6 SEPTEMBRE 2001
AMPHITHEATRE D'AGROPOLIS

PROGRAMMES RESUMES LISTE DES PARTICIPANTS

ARBORICULTURE FRUITIERE

*Cirad-Flhor
TA 50/PS 4
Boulevard de la Lironde
34398 Montpellier Cedex 5
France
Tél. : (33) 4 67 61 58 61
Fax : (33) 4 67 61 58 71*



Génomique des Bactéries Pathogènes

Monique Garnier, Josy Bové, Patricia Carle, Xavier Foissac, Frédéric Laigret, , Joël Renaudin et Colette Saillard

UMR Génomique, Développement, Pouvoir Pathogène, Equipe de Biologie Cellulaire et Moléculaire. INRA et Université Victor Ségalen Bordeaux 2 BP 81- 33883 Villenave d'Ornon cedex - garnier@bordeaux.inra.fr

Qui aurait pensé, il y a 20 ans, que la publication de séquences complètes de génomes bactériens se ferait à la vitesse exponentielle actuelle ? L'Institut de Recherche en Génomique (TIGR) a publié les premières séquences de génomes bactériens, celles de *Haemophilus influenzae* et de *Mycoplasma genitalium* en 1995. En juin 2001, on recensait 43 génomes bactériens séquencés et publiés et l'on sait que des centaines sont en cours de séquençage. Initialement les projets concernaient des bactéries à petits génomes (mycoplasmes), des pathogènes humains majeurs (*Mycobacterium tuberculosis*) ainsi que des bactéries modèles telles que *Escherichia coli* et *Bacillus subtilis*. La masse d'information obtenue à travers ces séquences est énorme et, aujourd'hui, tout bactériologiste aspire à connaître la séquence du génome de la bactérie qu'il étudie. Paradoxalement, l'analyse des génomes a également révélé combien nous savions relativement peu de choses sur ces microorganismes. Pour combler ces lacunes, des approches globales pour l'étude du transcriptome, du protéome et du métabolome se mettent en place et les programmes de génomique fonctionnelle prennent immédiatement le relais dès que l'analyse structurale des génomes est terminée.

L'analyse bioinformatique des séquences revêt différents aspects : elle inclut tout d'abord l'identification des séquences codantes pour des protéines (ORFs), celle des gènes codants pour les ARN de structure (tARN rARN) et la caractérisation des séquences répétées. Les analyses plus détaillées de la séquence permettent une reconstruction des voies métaboliques qui offrent une vue générale de la physiologie de la bactérie et donc de sa biologie. La génomique est particulièrement efficace en microbiologie comparative, elle permet d'évaluer le rôle joué par le transfert horizontal de gènes entre microorganismes en comparant l'organisation de gènes ou de familles de gènes et d'évaluer la plasticité des génomes. D'ores et déjà, la comparaison des gènes codants pour les transporteurs membranaires des génomes bactériens séquencés montre que leur nature est corrélée au style de vie de la bactérie (intracellulaire ou non par exemple).

Les puces à ADN permettent de mesurer l'expression de milliers de gènes simultanément dans les différentes conditions environnementales auxquelles est soumise une bactérie. La connaissance du génome permet aussi de réaliser des expériences de mutagenèse à grande échelle pour examiner la fonction des gènes. En effet, la seule séquence d'un gène ne suffit évidemment pas à connaître le rôle de ce gène.

La première et la seule bactérie phytopathogène dont la séquence génomique est publiée à ce jour est *Xylella fastidiosa*, responsable de la chlorose variégée des agrumes. Les informations significatives apportées par ces séquences seront présentées. D'autres génomes de bactéries pathogènes des agrumes telles que *Xanthomonas axonopodis* pv *citri*, et *Spiroplasma citri* responsables respectivement du chancre citrique et du stubborn sont en cours de séquençage. La comparaison de ces génomes permettra en particulier de connaître les spécificités de bactéries vivant dans le xylème, le phloème ou l'apoplaste et la surface des plantes.